

## [IE- Bioinformatique

### Profil de poste

<b>Emploi-type</b>	<b>E2E47 – Ingénieur-e en calcul scientifique</b>
<b>BAP</b>	E
<b>Missions</b>	<p>Le projet consiste à étudier le rôle des IFNs de type III dans la muqueuse intestinale. Dans ce contexte, nous souhaitons étudier deux points principaux : 1) l'impact des IFN de type III sur la biologie des cellules épithéliales lors de la réparation des tissus à la suite d'infections ou de lésions inflammatoires, et 2) l'influence du microbiote viral et bactérien sur la production d'interférons de type III dans l'intestin.</p> <p>Nous combinerons des données single-cell RNA-seq publiques et de l'équipe (cellules épithéliales et immunitaires dans l'intestin) pour comprendre leurs pathways d'activation, leurs différenciation et leur lien avec des pathologies inflammatoires (MICI, Colites). Nous explorerons aussi, par le biais d'une analyse métagénomique de bulk RNA-seq des tissus et des extraits fécaux, la composition du microbiome viral et bactérien dans différentes conditions pathologiques.</p> <p>Vous aurez la charge des analyses de données de transcriptomes en single-cell RNA-seq en coordination avec le CB2M (Computational Biology, Biostatistics and Modeling) du CIML. Vous devrez établir des protocoles d'analyse adaptés, produire des rapports d'analyse clairs et détaillés et les communiquer à votre équipe.</p>
<b>Activités principales</b>	<ul style="list-style-type: none"><li>• Intégration au projet de recherche cité, assimilation des questions biologiques posées et mise au point un plan d'analyse bio-informatique adapté.</li><li>• Analyse des données bulk RNA-seq (normalisation, expression différentielle...)</li><li>• Analyse des données single-cell RNA-seq du projet (Analyse en réduction de dimensionnalité (ACP, t-SNE), expression différentielle, enrichissement fonctionnel, étude d'hétérogénéité cellulaire, dynamique, communication cellule-cellule...).</li><li>• Analyse des données de métagénomique via les pipelines standards</li><li>• Communication scientifique interne et externe. Mise en forme des résultats pour publications scientifiques.</li></ul>
<b>Activités associées</b>	<ul style="list-style-type: none"><li>• Communication scientifique interne et externe.</li><li>• Participation aux lab meeting de son équipe</li><li>• Participation aux rencontres et aux échanges de la communauté des bioinformaticiens du centre.</li></ul>
<b>Connaissances</b>	<ul style="list-style-type: none"><li>• Expérience en transcriptomique, idéalement à l'échelle de la cellule unique (Single Cell RNA-Seq) qui constituent l'essentiel des données du projet.</li><li>• Connaissance des algorithmes de traitement des données single-cell (sélection de gènes, réduction de dimensionnalité, clustering, dynamique...)</li><li>• Niveau en statistique suffisant pour appréhender les méthodes d'analyse classiques</li><li>• Une expérience dans l'analyse métagénomique est appréciée mais n'est pas exigée</li></ul>
<b>Savoir-faire</b>	<ul style="list-style-type: none"><li>• Capacités organisationnelles, présentation synthétique des résultats scientifiques.</li><li>• Bonne communication avec les bioinformaticiens et les biologistes</li><li>• Intérêt pour les question scientifiques en biologie. Une connaissances en immunologie et/ou neuroscience serait un avantage.</li></ul>
<b>Aptitudes</b>	<ul style="list-style-type: none"><li>• Volonté d'évolution et d'apprentissage</li><li>• Intérêt pour l'acquisition de nouvelles méthodes et connaissances</li><li>• Bonnes capacités de travail en équipe</li><li>• Bon niveau en anglais écrit et oral</li></ul>

**Spécificité(s)/  
Contrainte(s)  
du poste**

Vous intégrerez l'équipe de recherche de Achille Broggi au sein du CIML où vous serez en relation directe avec le chef d'équipe, ainsi qu'avec les membres de l'équipe (allers-retours constants entre hypothèses que vous générerez et validation *in vivo* chez la souris par les expérimentalistes). Vous aurez l'opportunité d'également collaborer avec d'autres équipes du CIML qui étudient des sujets similaires en immunologie des muqueuses.

Vous serez en contact avec les membres du CB2M qui organise et fédère les bioinformaticiens du CIML (~20 personnes). Au sein du CB2M, vous recevrez une éducation aux méthodologies d'analyse utilisées dans le centre et sur les outils employés pour assurer la reproductibilité des résultats (Open Science / FAIR data). Vous participerez aux échanges de la communauté bioinformatique du centre pour recevoir des conseils ou prodiguer les vôtres.

**Nous recherchons une personne motivée et volontaire pour apprendre et évoluer. Si vous n'avez pas toutes les compétences indiquées mais êtes vraiment motivé, n'hésitez pas à nous écrire.** A votre arrivée, vous recevrez une formation sur les techniques qui pourraient vous manquer pour être opérationnel sur le poste.

**Expérience  
souhaitée**

0 ans

**Diplôme(s)  
souhaité(s)**

Master en bioinformatique ou diplôme équivalent

**Structure d'accueil**

**Code unité**

U 1104

**Intitulé**

CIML

**Responsable**

Philippe Pierre

**Composition**

L'équipe requérant le contrat est composée de Achille Broggi (CRCN, chef d'équipe), 1 IE, 2 post-doc, 2 étudiants PhD et 1 étudiants Master.

**Adresse**

Parc Scientifique et Technologique de Luminy  
163 avenue de Luminy  
Case 906  
13288 Marseille cedex 9

**Délégation  
Régionale**

Provence-Alpes-Côte d'Azur et Corse

**Contrat**

**Type**

CDD

**Durée**

Durée initiale 1 an renouvelable pour 1 année additionnelle

**Rémunération**

2457 Euros bruts mensuels / Salaire en fonction du diplôme et de l'expérience, suivant les grilles de la fonction publique.

**Date souhaitée de  
prise de  
fonctions**

Juillet 2023

## Pour postuler

Envoyer un CV, une lettre de motivation et les adresses de contact de 2 références à :

Achille Broggi : broggi@ciml.univ-mrs.fr